Entziffertes Erbgut - was nun?

Autor(en): **Schatz, Gottfried**

Objekttyp: **Article**

Zeitschrift: **Horizonte : Schweizer Forschungsmagazin**

Band (Jahr): **- (2000)**

Heft 46

PDF erstellt am: **26.04.2024**

Persistenter Link: https://doi.org/10.5169/seals-967678

Nutzungsbedingungen

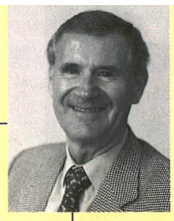
Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.
Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.
Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

Ein Dienst der *ETH-Bibliothek*
ETH Zürich, Rämistrasse 101, 8092 Zürich, Schweiz, www.library.ethz.ch

http://www.e-periodica.ch



Prof. Gottfried Schatz präsidiert den Schweizerischen Wissenschafts- und Technologierat und ist ehemaliger Forschungsrat des Nationalfonds.

Entziffertes Erbgut – was nun?

Es war schneller vorbei als geplant. Als Biologen im Jahre 1986 beschlossen, in einer weltweiten Gemeinschaftsarbeit die chemische Struktur des gesamten menschlichen Erbgutes – des menschlichen Genoms – zu bestimmen, veranschlagte die dafür gegründete Human Genome Project Organization (HUGO) etwa zwei Jahrzehnte. Doch der rasante technische Fortschritt in der Automation und der unerwartete Einstieg einer privaten Firma in das Rennen sorgten für einen fulminanten Endspurt. Am 26. Juni verkündete kein Geringerer als US-Präsident Bill Clinton: «Die Entschlüsselung des menschlichen Erbgutes ist beendet!»

So ganz stimmt das nicht, denn etwa 5% des Genoms harren noch der Aufklärung. Das Einfügen der letzten Teile in das gigantische Mosaik könnte noch unverhältnismässig viel Arbeit und Kopfzerbrechen kosten; einige Teile lassen sich mit den heutigen Methoden überhaupt nicht zweifelsfrei bestimmen. Doch das eigentliche Rennen ist vorbei.

Da liegen sie nun vor uns, die drei Milliarden Buchstaben unseres genetischen Erbes. Was bleibt jetzt noch zu tun?

So ziemlich alles. Wir haben zwar den Volltext des Epos und können ihn lesen, verstehen davon aber nur winzige Fragmente. Von den 70 000 bis 100 000 diskreten Erbanlagen – den Genen – unseres Genoms wissen wir nur von einigen Hunderten, welche Funktion sie erfüllen. Fast 100 000 Gene warten also noch der Deutung. Fast jedes von ihnen ist der Bauplan für ein ganz bestimmtes Protein. Wie sehen diese noch unbekannten Proteine aus? Welche Funktion erfüllen sie? Wo in der Zelle befinden sie sich? Arbeiten sie als Einzelgänger oder sind sie an andere Proteine gebunden? An welchen funktionellen Netzwerken sind sie beteiligt? Lässt sich das Verhalten dieser Netzwerke präzise vorausberechnen oder selektiv durch Medikamente beeinflussen?

Und was bedeuten die langen Abschnitte, die zwischen den Genen liegen und auch viele Gene in kleinere Stücke unterteilen? Diese Abschnitte machen wahrscheinlich bis zu 97% unseres Genoms aus, doch wissen wir weder, was sie sagen, noch wozu sie gut sind. Die eigentlichen Gene repräsentieren also weniger als 3% unseres Genoms, und von diesen 3% haben wir bisher nur etwa 0,1% gedeutet. Unser Verständnis des menschlichen Genoms liegt also bei etwa 0,003 %. Die Rechnung ist ernüchternd: Wer will da von einer wirklichen Entschlüsselung des menschlichen Erbgutes reden?

HUGO und seine Konkurrenten haben Grossartiges geleistet, aber ihre Arbeit war eindimensional, ebenso wie die hauchdünnen DNS-Fäden, in denen unsere Gene niedergeschrieben sind. Das funktionelle Zusammenspiel dieser Gene wird sich nur mehrdimensionalem Denken erschliessen. Die legendäre Nobelpreisträgerin Barbara McClintock soll nach ihrer Teilnahme an einem molekularbiologischen Kongress gefragt haben: «Where have all the biologists gone?» Ab jetzt wird es mehr denn je Biologen brauchen, die interdisziplinär denken und sich nicht damit zufrieden geben, Experten eines eng begrenzten Spezialgebietes zu sein.

Für die Schweiz bedeutet dies eine grosse Chance. Schweizer Biologen zählen zur Weltspitze, nicht zuletzt dank der gründlichen Ausbildung, die ihnen unsere Hochschulen mitgeben. Diese müssen jedoch endlich die Grenzen zwischen den traditionellen biologischen Disziplinen abreissen, denn «reine» Genetiker, Strukturbiologen, Biochemiker oder Biophysiker werden ab jetzt wenig gefragt sein. Wenn unsere Universitäten sich dieser Herausforderung gewachsen zeigen, wird die Schweizer Biologie auch im postgenomischen Zeitalter ihr Markenzeichen «Klein, aber fein» bewahren können.

G. S.